

UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

Re: Application of: Jordi FONTCUBERTA BOJ, et al.
Serial No.: Not yet known
Filed: Herewith
For: NEW ALLELIC VARIANTS IN THE FACTOR
VII GENE

LETTER RE PRIORITY

Commissioner for Patents
P. O. Box 1450
Alexandria, VA 22313-1450

January 21, 2005

Dear Sir:

Applicants hereby claim the priority of Spanish Patent Application No. P-200201749 filed July 25, 2002 through International Patent Application No. PCT/ES2003/000379 filed July 23, 2003.

Respectfully submitted,

By: Dona C. Edwards
Dona C. Edwards
Reg. No. 42,507

Steinberg & Raskin, P.C.
1140 Avenue of the Americas, 15th Floor
New York, NY 10036-5803
Telephone: (212) 768-3800
Facsimile: (212) 382-2124
E-mail: sr@steinberggraskin.com

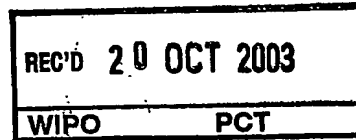
EST AVAILABLE COPY



MINISTERIO
DE CIENCIA
Y TECNOLOGIA



Oficina Española
de Patentes y Marcas



BEST AVAILABLE COPY

CERTIFICADO OFICIAL

Por la presente certifico que los documentos adjuntos son copia exacta de la solicitud de PATENTE de INVENCION número 200201749, que tiene fecha de presentación en este Organismo el 25 de Julio de 2002.

Madrid, 3 de octubre de 2003

**CERTIFIED COPY OF
PRIORITY DOCUMENT**

El Director del Departamento de Patentes
e Información Tecnológica.

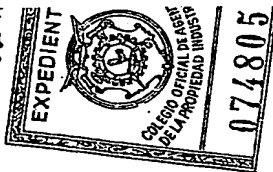
P.D.

CARMEN LENCE REJA

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)



MINISTERIO
DE CIENCIA
Y TECNOLOGIA



NUMERO CITUD

P20020119

(1) MODALIDAD

☒ PATENTE DE INVENCION ☐ MODELO DE UTILIDAD

(2) TIPO DE SOLICITUD

- ☐ ADICIÓN A LA PATENTE
☐ SOLICITUD DIVISIONAL
☐ CAMBIO DE MODALIDAD
☐ TRANSFORMACIÓN SOLICITUD PATENTE EUROPEA
☐ PCT: ENTRADA FASE NACIONAL

(3) EXPED. PRINCIPAL O DE ORIGEN:
MODALIDAD

NUMERO SOLICITUD
FECHA SOLICITUD

02 JUL 25 10:09

FECHA Y HORA DE PRESENTACIÓN EN LA O.E.P.M.

FECHA Y HORA PRESENTACIÓN EN LUGAR DISTINTO O.E.P.M.

(4) LUGAR DE PRESENTACIÓN
MADRID

CÓDIGO
28

(5) SOLICITANTE(S): APELLIDOS O DENOMINACIÓN SOCIAL

NOMBRE

NACIONALIDAD

CÓDIGO PAÍS

DNI/CIF

CNAE PYME

FUNDACIÓ PRIVADA I INSTITUT DE
RECERCA DE L'HOSPITAL DE LA SANTA
CREU I SANT PAU

ESPAÑOLA

ES

G60136934

(6) DATOS DEL PRIMER SOLICITANTE

DOMICILIO C. de Sant Antoni Maria Claret, 167

LOCALIDAD BARCELONA

PROVINCIA BARCELONA

PAIS RESIDENCIA ESPAÑA

NACIONALIDAD ESPAÑOLA

TELEFONO

FAX

CORREO ELECTRONICO

CÓDIGO POSTAL 08025

CÓDIGO PAÍS ES

CÓDIGO NACION ES

(7) INVENTOR (ES):

APELLIDOS

NOMBRE

NACIONALIDAD

CÓDIGO
PAÍS

FONTCUBERTA BOJ
SORIA FERNÁNDEZ

JORDI
JOSÉ MANUEL

ESPAÑOLA
ESPAÑOLA

ES
ES

(8)

☐ EL SOLICITANTE ES EL INVENTOR

☒ EL SOLICITANTE NO ES EL INVENTOR O ÚNICO INVENTOR

(9) MODO DE OBTENCIÓN DEL DERECHO:

☒ INVENC. LABORAL

☐ CONTRATO

☐ SUCESIÓN

(9) TÍTULO DE LA INVENCION

NUEVAS VARIANTES ALELICAS EN EL GEN DEL FACTOR VII.

(11) EFECTUADO DEPÓSITO DE MATERIA BIOLÓGICA:

☐ SI

☐ NO

(12) EXPOSICIONES OFICIALES: LUGAR

FECHA

(13) DECLARACIONES DE PRIORIDAD:
PAIS DE ORIGEN

CÓDIGO
PAÍS

NÚMERO

FECHA

(14) EL SOLICITANTE SE ACOGE AL APLAZAMIENTO DE PAGO DE TASAS PREVISTO EN EL ART. 162. LEY 11/86 DE PATENTES ☐

(15) AGENTE/REPRESENTANTE: NOMBRE Y DIRECCIÓN POSTAL COMPLETA. (SI AGENTE P.I., NOMBRE Y CÓDIGO) (RELLENSE, ÚNICAMENTE POR PROFESIONALES)
Ponti Sales, Adelaida, 388/3, Consell de Cent, 322, Barcelona, Barcelona, 08007, España

(16) RELACIÓN DE DOCUMENTOS QUE SE ACOMPAÑAN:

☒ DESCRIPCIÓN. Nº DE PÁGINAS: 18

☒ Nº DE REVINDICACIONES: 9

☐ DIBUJOS. Nº DE PÁGINAS:

☒ LISTA DE SECUENCIAS Nº DE PÁGINAS: 11

☒ RESUMEN

☐ DOCUMENTO DE PRIORIDAD

☐ TRADUCCIÓN DEL DOCUMENTO DE PRIORIDAD

☐ DOCUMENTO DE REPRESENTACIÓN

☒ JUSTIFICANTE DEL PAGO DE TASAS DE SOLICITUD

☐ HOJA DE INFORMACIÓN COMPLEMENTARIA

☐ PRUEBAS DE LOS DIBUJOS

☐ CUESTIONARIO DE PROSPECCIÓN

☒ OTROS: SOPORTE MAGNETICO

FIRMA DEL SOLICITANTE O REPRESENTANTE

Adelaida Ponti Sales

Colegiado Nº 320

(VER COMUNICACIÓN)

FIRMA DEL FUNCIONARIO

NOTIFICACIÓN DE PAGO DE LA TASA DE CONCESIÓN:

Se le notifica que esta solicitud se considerará retirada si no procede al pago de la tasa de concesión; para el pago de esta tasa dispone de tres meses a contar desde la publicación del anuncio de la concesión en el BOPI, más los diez días que establece el art. 81 del R.D. 2245/1986

ILMO. SR. DIRECTOR DE LA OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

Informacion@oeptm.es

www.oeptm.es

C/ PANAMÁ, 1 • 28071 MADRID

MOD. 3001 - 1 - EJEMPLAR PARA EL EXPEDIENTE

NO CUMPLIMENTAR LOS RECUADROS ENMARCADOS EN ROJO



MINISTERIO
DE CIENCIA
Y TECNOLOGÍA



Oficina Española
de Patentes y Marcas

NÚMERO DE SOLICITUD

P20 020 174 9

FECHA DE PRESENTACIÓN

RESUMEN Y GRÁFICO

RESUMEN (Máx. 150 palabras)

NUEVAS VARIANTES ALÉLICAS EN EL GEN DEL FACTOR VII

La presencia de por lo menos una de dichas variantes alélicas afecta a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por dicha molécula de ácido nucleico.

El procedimiento para el análisis de una molécula de ácido nucleico comprende la obtención de dicha molécula a partir de una muestra biológica y la determinación de por lo menos una variante alélica de la Tabla 1, afectando dicha variable alélica a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por ésta.

El producto aislado codificado por una molécula de ácido nucleico que comprende por lo menos una variante alélica se puede utilizar como medicamento.

GRÁFICO



(12)

SOLICITUD DE PATENTE DE INVENCION

(24) NÚMERO DE SOLICITUD
P 20 020 174 9

(31) NÚMERO

DATOS DE PRIORIDAD

(32) FECHA

(33) PAÍS

(22) FECHA DE PRESENTACIÓN

(62) PATENTE DE LA QUE ES
DIVISORIA

(71) SOLICITANTE (S)

FUNDACIÓ PRIVADAD I INSTITUT DE RECERCA DE L'HOSPITAL DE LA SANTA CREU I SANT
PAU

DOMICLIO C. de Sant Antoni Maria Claret, 167
BARCELONA

NACIONALIDAD ESPAÑOLA
08025 BARCELONA ESPAÑA

(72) INVENTOR (ES)

JORDI FONTCUBERTA BOJ, JOSÉ MANUEL SORIA FERNÁNDEZ

(31) Int. Cl.

GRÁFICO (SÓLO PARA INTERPRETAR RESUMEN)

(54) TÍTULO DE LA INVENCION

NUEVAS VARIANTES ALELICAS EN EL GEN DEL FACTOR VII.

(57) RESUMEN

NUEVAS VARIANTES ALÉLICAS EN EL GEN DEL FACTOR VII

La presencia de por lo menos una de dichas variantes alélicas afecta a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por dicha molécula de ácido nucleico.

El procedimiento para el análisis de una molécula de ácido nucleico comprende la obtención de dicha molécula a partir de una muestra biológica y la determinación de por lo menos una variante alélica de la Tabla 1, afectando dicha variable alélica a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por ésta.

El producto aislado codificado por una molécula de ácido nucleico que comprende por lo menos una variante alélica se puede utilizar como medicamento.

NUEVAS VARIANTES ALÉLICAS EN EL GEN DEL FACTOR VII

CAMPO DE LA INVENCION

La presente invención se refiere al campo de las enfermedades cardiovasculares.

- 5 En particular, la presente invención se refiere a la identificación de nuevas variantes alélicas en la secuencia del gen del factor VII para determinar la predisposición a una enfermedad cardiovascular.

10 ANTECEDENTES DE LA INVENCION

El factor VII es una glicoproteína dependiente de vitamina K sintetizada en el hígado y se secreta en la sangre como un zimógeno inactivo a una concentración de 0,5 $\mu\text{g/ml}^2$ (Fair Blood, 1983). Después de un daño endotelial, se expone el factor tisular (TF) y se une al factor VII, activando la cascada de coagulación. (Osterud. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1977; Bauer et al., Blood, 1990).

El gen que codifica el factor VII está localizado en 13q34-q.ter (Pfeiffer et al., 1982; Gilgenkrantz et al, 1986), contiene 9 exones y 8 intrones de 12,8 Kb y codifica para una proteína de 406 aminoácidos. La secuencia del gen completo para el factor VII humano fue determinada por O'Hara et al (O'Hara P.J. et al., 25 "Nucleotide sequence of the gen coding for human factor VII, a vitamin K-dependent protein participating in blood coagulation"; Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 84:5158-5162 (1987)). El mRNA se encuentra poliadenilado en múltiples posiciones y tiene un splicing diferencial eficiente. La 30 proteína madura tiene una masa molecular de aproximadamente

50 KDa.

La forma activada del factor VII consiste en una cadena pesada y una cadena ligera, ambas codificadas por el mismo gen, y unidos por un puente disulfuro entre la
 5 cisteína 135 y la cisteína 262 (Hagen et al., 1986). Contiene dos dominios EGF (dominio del factor de crecimiento epidérmico), un dominio Gla (dominio del ácido γ -carboxiglutámico) y un dominio catalítico similar a tripsina (Hagen et al., Natl Acad Sci USA, 1986).

10 La cadena pesada comprende la parte catalítica de la molécula y la cadena pesada contiene el dominio Gla implicado en la unión de Ca^{2+} y la unión de membrana, que son esenciales para la actividad del factor VII.

Las variantes de la cadena pesada del factor VII
 15 implican la interferencia directa en el proceso de activación o la interrupción del mecanismo catalítico, mientras que la mayoría de variantes de cadenas ligeras interrumpen las interacciones con Ca^{2+} o con componentes de membrana que resulta en moléculas no funcionales (Zheng et
 20 al., Blood Coagul Fibrinol, 1996).

La deficiencia del factor VII hereditaria es una alteración poco común que muestra una herencia recesiva autosómica con elevada penetrancia y expresividad variable (kupfer et al., 1960; Triplet et al., 1985). Tiene una
 25 incidencia de 1 por cada 500.000 en la población (Wulf and Herrmann. Hum Mutation 15; 2000) y fue reconocida, por primer vez, por Alexander et al., 1951. Se han identificado algunas de las mutaciones en el gen del factor VII, afectando éstas a todos los dominios de la proteína, aunque
 30 aproximadamente, un 50% de dichas mutaciones afectan al dominio proteasa (Wulff and Hermann, Hum mutation, 2000), lo cual indica que la pérdida de función proteasa es la causa principal de deficiencia en el factor VII.

En general las formas de desorden más comunes

implican la presencia de factor VII disfuncional, que consiste en niveles de antígeno bajos en el plasma y una prolongación del tiempo de protrombina debido a la actividad defectiva de éstas moléculas.

La ausencia de actividad de factor VII en plasma causa hemorragia severa poco tiempo después del nacimiento; de hecho existen estudios en los que ratones deficientes en FVII, mediante la interrupción del gen del factor VII se producía hemorragia letal en el periodo del peri-parto (Mc Vey et al. Hum mutation et al, 2000).

Por otro lado, alrededor de un 30-40 % de la variación en los niveles de FVIIa en la población general se puede explicar por la existencia de polimorfismos en el gen del factor FVII (Bernardi et al., Blood 1996). Sin embargo, éstos polimorfismos o variantes alélicas presentan diferentes frecuencias alélicas en diferentes poblaciones (Green et al., Arterioscler. Thromb, 1991; Bernardi, marchetti, Pinotti. Arterioscler Thromb Vasc. Biol. 1996).

Estas variantes alélicas se han asociado con el diferente riesgo de padecer enfermedades cardiovasculares, aunque los estudios donde se han descrito esta asociación son contradictorios y en ningún caso concluyentes (Girelli et al New Eng. J. Med, 2000; Iacoviello et al., N. Eng. J. Med. 1998). Además, adolecen todos ellos de errores de diseño y falta de poder estadístico.

Hasta la actualidad el diseño y la metodología empleada para abordar el estudio de la enfermedad cardiovascular se basan en investigar la presencia del factor de riesgo en individuos sanos (controles) y enfermos (casos), no emparentados entre ellos. Cuando el hipotético factor de riesgo se observa más frecuentemente (en términos estadísticos) en los casos que en los controles, se concluye que la enfermedad se asocia con el factor bajo estudio. En rigor, una relación de asociación

11

12

13

14

no implica necesariamente causalidad. Este tipo de estudio, denominado Estudio de Asociación o Caso/Control, es totalmente inadecuado para investigar causas genéticas en las enfermedades complejas, como la enfermedad cardiovascular (Gambaro et al., Lancet 2000). Los estudios epidemiológicos convencionales sirven fundamentalmente para identificar causas ambientales de enfermedad (por ejemplo el tabaco y el cáncer de pulmón, anticonceptivos orales y trombosis venosa o una dieta pobre en vitamina C y escorbuto) pero son muy ineficaces para localizar los genes implicados. Sin embargo, y debido a la generalización de las técnicas de PCR en los laboratorios clínicos, existe una avalancha de Estudios de Asociación para relacionar variantes genéticas (polimorfismos) en determinados genes candidatos con todo tipo de enfermedades. Como consecuencia se ha generado mucha confusión porque habitualmente los resultados relativos a un mismo polimorfismo suelen ser contradictorios. El estudio de la enfermedad cardiovascular, tanto en su vertiente venosa como arterial, tampoco ha escapado a esta perversión metodológica ni al consiguiente caos de resultados (Girelli et al New Eng. J. Med, 2000; Iacoviello et al., N. Eng. J. Med. 1998).

5 DESCRIPCIÓN DE LA INVENCION

La presente invención se refiere a una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia del gen codificante del factor VII caracterizada por el hecho de que dicha molécula comprende por lo menos una variante alélica, afectando dicha variable alélica a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico, del producto obtenido de la transcripción de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por dicha

molécula de ácido nucleico.

En la presente invención, por "molécula de ácido nucleico" se entiende una secuencia de ADN procedente del gen que codifica la proteína factor VII. La longitud de dicha secuencia no es un aspecto esencial o limitativo de la presente invención.

En la presente invención, por "variante alélica" se entiende una variación genética en la secuencia de ADN que codifica para la proteína factor VII, implicando, dicha variación genética, una patología, pérdida o ganancia de estabilidad y/o funcionalidad. En particular, dicha variante alélica puede ser una delección, una inserción o una sustitución.

Por tanto, en un primer aspecto de la invención, se proporcionan nuevas variantes alélicas que han sido identificadas en el gen que codifica la proteína factor VII.

Sorprendentemente, los inventores de la presente invención han encontrado que dichas variantes alélicas afectan no sólo a la funcionalidad del factor VII, sino que, además, a los niveles en los que se encuentra dicha proteína. Esto se debe al hecho de que dichas variantes pueden afectar tanto a la molécula de ácido nucleico (ADN), como al transcrito de dicha molécula (ARN) así como a la proteína. Por ejemplo, si la variante alélica da lugar a un aumento de la estabilidad del ARN, se obtendrán unos niveles mayores de la proteína factor VII en plasma; si la variante alélica afecta a un exón (es decir, a una región codificante de la proteína) se verá afectada la funcionalidad del factor VII; si la variante alélica se

encuentra en un intrón (es decir, en una región no codificante) se puede ver afectada la estabilidad del ADN y/o ARN, afectando a los niveles de FVII en sangre (aumentando o disminuyendo dichos niveles).

5

En la presente invención por "dicha variante afectando a la estabilidad y/o funcionalidad" se entiende una variante alélica que da lugar a un aumento o disminución de la estabilidad, ya sea del ADN o ARN, y/o a
10 un aumento o pérdida de función de FVII.

La secuencia del gen humano codificante de FVII es conocida (secuencia publicada por O'Hara, P. J.; Grant, F. J.; Haldeman, B. A.; Gray, C. L.; Insley, M. Y.; Hagen,
15 F. S.; Murray, M. J.: "Nucleotide sequence of the gene coding for human factor VII, a vitamin K-dependent protein participating in blood coagulation". *Proc. Nat. Acad. Sci.* 84: 5158-5162, 1987. Número de acceso en PubMed ID: 3037537).

20

Las variantes alélicas identificadas en la presente invención se localizan en la región del promotor, del intrón 1, del intrón 2, del exón 3, del intrón 3, del intrón 5, del exón 6, del intrón 7, del intrón 8, del exón
25 9, en la región 3'-UTR (región 3' no traducible a proteína, pero que contiene secuencias reguladoras), tal y como se muestra en la siguiente tabla:

30

Tabla 1: variantes alélicas identificadas en la presente invención.
 SNP (Single Nucleotide polymorphism) variación de una base
 (nucleótido) en la secuencia de ADN.

5

Nucleótido O'Hara et al	Variante alélica	Posición	Tipo
-3216	C/T	Promotor	SNP
-2987	C/A	Promotor	SNP
-668	A/C	Promotor	SNP
-628	A/G	Promotor	SNP
-402	G/A	Promotor	SNP
-401	G/T	Promotor	SNP
-323	Ins 0/10	Promotor	Inserción
-122	T/C	Promotor	SNP
73	G/A	Intrón 1	SNP
260	A/G	Intrón 1	SNP
364	G/A	Intrón 1	SNP
698	T/C	Intrón 1	SNP
705	G/A	Intrón 1	SNP
710	C/G	Intrón 1	SNP
723	IVS1	Intrón 1	VNTR
799	T/C	Intrón 1	SNP
806	G/A	Intrón 1	SNP
811	C/G	Intrón 1	SNP
833	T/C	Intrón 1	SNP
3.171	G/A	Intrón 2	SNP
3.294	G/A	Intrón 2	SNP
3.380	C/T	Intrón 2	SNP
3.423	G/T	Intrón 2	SNP
3.928 Q35Q	G/A	Exón 3	SNP

Nucleótido O'Hara et al	Variante alélica	Posición	Tipo
4.003	G/A	Intrón 3	SNP
5.191	A/G	Intrón 3	SNP
5.503	T/A	Intrón 3	SNP
6.331	G/A	Intrón 5	SNP
6.448	G/T	Intrón 5	SNP
6.452	G/T	Intrón 5	SNP
6.461	IVS5	Intrón 5	VNTR
7.161	G/C	Intrón 5	SNP
7.453	T/G	Intrón 5	SNP
7.729	G/A	Intrón 5	SNP
7.880 H115H	C/T	Exón 6	SNP
8.695	G/A	Intrón 6	SNP
9.724	IVS7	Intrón 8	VNTR
9.734	A/G	Intrón 8	SNP
9.779	T/C	Intrón 8	SNP
9.792	G/A	Intrón 8	SNP
9.847	C/T	Intrón 8	SNP
10.524	G/A	Intrón 8	SNP
10.534	T/C	Intrón 8	SNP
10.799 A294V	C/T	Exón 9	SNP
10.914 S333S	G/A	Exón 9	SNP
10976 R353Q	G/A	Exón 9	SNP
11.293	Ins AA	3'-UTR	Inserción
11.622	Del AG	3'-UTR	SNP
11.912	G/A	3'-UTR	SNP

La numeración de las variantes alélicas descritas en la tabla se basan en la numeración de la secuencia del gen codificante del factor VII humano
5 publicada por O'Hara.

La primera columna indica la posición en la que se ha detectado la variante alélica, tomando como referencia la numeración de la secuencia publicada por
10 O'Hara. Las letras en mayúsculas (de la segunda columna) indican cuál es la variante alélica en una determinada posición. Por ejemplo, -3216 C/T significa que en la posición -3216 (que se encuentra en la región del promotor) el alelo normal es una C (citosina) y la
15 variante alélica es T (timidina); 11293 Ins AA significa que en la posición 11293 se insertan dos nucleótidos adenina; 11622 del AG significa que en la posición 11622 existe la delección de dos nucleótidos, adenina y guanina.

20 En un segundo aspecto, los inventores de la presente invención han encontrado que la identificación de dichas variantes alélicas en una molécula de ácido nucleico son indicativas de que el paciente pueda desarrollar una enfermedad cardiovascular, debido al hecho
25 de que dichas variantes alélicas pueden ser funcionales (identificadas en los exones de la molécula de ácido nucleico) afectando a la función total o parcial de la proteína codificada por dicha molécula y, por lo tanto, viéndose afectado el proceso de coagulación en que se
30 encuentra implicada dicha proteína.

De hecho, la proteína (factor VII) codificada por una molécula de ácido nucleico, de acuerdo con la presente invención, puede ver alterada su estabilidad, la
35 secreción de la misma desde la célula al plasma, la vida

media en plasma, etc.

La propia molécula de ácido nucleico puede también verse alterada por la presencia de por lo menos una de las variantes alélicas de la Tabla 1, en lo referente a tasa de transcripción, vida media del RNA mensajero, tasa de traducción a proteína en los ribosomas, etc.

10 Por todo ello, la presente invención se refiere a proteínas codificadas por una molécula de ácido nucleico que comprende por lo menos una variante alélica de la Tabla 1, para utilizar como medicamento.

15 Por ejemplo, si la variante alélica se localiza en un intrón de dicha molécula de ácido nucleico, se puede obtener una proteína FVII de mayor estabilidad, permaneciendo durante más tiempo en plasma, pudiéndose utilizar para administrar a pacientes con problemas de
20 coagulación.

Otro aspecto de la presente invención es un procedimiento para el análisis de una molécula de ácido nucleico, caracterizado por el hecho de que comprende la
25 obtención de dicha molécula a partir de una muestra biológica y la determinación de por lo menos una variante alélica de la Tabla 1, afectando dicha variable alélica a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por ésta.

30

En aún todavía otro aspecto, la presente invención se refiere a un dispositivo para la determinación de una predisposición a una enfermedad cardiovascular que comprende al menos uno de los oligonucleótidos

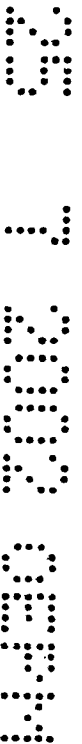
identificados en la Tabla 3. (Ver posteriormente)

Ventajosamente, si la muestra de ADN del paciente se hibrida con al menos uno de los 5 oligonucleótidos identificados en la Tabla 3, será indicativo de que presenta por lo menos una variante alélica en el gen del factor VII y, por tanto, se podrá determinar el origen en la función alterada del factor VII.

10 De esta manera, se puede diseñar un tratamiento específico para la prevención de una enfermedad cardiovascular en pacientes que aún no la hayan desarrollado pero que presenten al menos una variante alélica; se puede diseñar un tratamiento que sea específico 15 para apaliar la disfunción del factor VII; o se puede utilizar el producto codificado por dicha molécula de ácido nucleico para el tratamiento de una enfermedad asociada con la cascada de coagulación.

20 Por tanto, la presente invención proporciona nuevas variantes alélicas identificadas en el gen que codifica para el factor VII que afectan a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por ésta.

25 Ventajosamente, la detección de dichas variables alélicas no sólo permiten la detección de una predisposición a una enfermedad cardiovascular (asociada con trombosis) sino que, además, las proteínas que son 30 codificadas por las moléculas de ácido nucleico que comprenden por lo menos una de las variantes alélicas de la Tabla 1 se pueden utilizar como medicamento para el tratamiento de complicaciones asociadas a la trombosis o coagulación.



A continuación, a modo de ejemplo ilustrativo y no limitativo, se incluye el siguiente ejemplo.

5 Ejemplos

Ejemplo 1: Procedimiento para la identificación de las variantes alélicas de la presente invención.

10 1. Extracción de sangre:

El DNA se extrajo de células sanguíneas blancas (leucocitos) procedente de personas no emparentadas con unos niveles de FVII en plasma muy superiores o inferiores a los que un experto en la materia considera como niveles normales en la media de la población. Las muestras de sangre se recogieron de la vena antecubital y se anticoaguló, inmediatamente, con 1/10 volumen de citrato sódico 0,129 M.

20 El plasma empobrecido en plaquetas se obtuvo por centrifugación a 2000 g durante 20 min. y posteriormente se congeló y guardó a -40°C hasta su análisis.

2. Aislamiento y amplificación del DNA.

25 El DNA se purificó a partir de los núcleos de leucocitos mediante el procedimiento descrito por Miller et al. (Miller et al. Nucl Ac Res 16 (3): 1215, 1988).

El gen del FVII fue analizado en diferentes fragmentos solapados que cubrían la totalidad de la secuencia del gen. La técnica utilizada para este análisis fue la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Los cebadores ("primers") utilizados para amplificar estos fragmentos se muestran en la Tabla 2 y 3.

- 5 Tabla 2: cebadores utilizados para amplificar los fragmentos obtenidos por PCR.

	Cebadores de amplificación	Otros cebadores internos
FRAGMENTO 1.1	71-72	
FRAGMENTO 1.2	71.4-72	
FRAGMENTO 2	73-74	73.1/73.2/74.1/74.3
FRAGMENTO 3	75-76	
FRAGMENTO 4	77-78	77.1/78.1
FRAGMENTO 5.1	79B-710B	
FRAGMENTO 5.2	79C-710.1	710.1/710G
FRAGMENTO 6.1	711.2-712.1	711.5
FRAGMENTO 6.2	711.1-712.2	
FRAGMENTO 6.3	711.2-712	711.4
FRAGMENTO 7	713-714	714.1/714.2/713.2/713.3
FRAGMENTO 8	715-716	715.1/716.1

Los diferentes fragmentos del gen del FVII fueron enumerados consecutivamente según el orden de análisis.

10

Los cebadores también fueron enumerados consecutivamente, teniendo en cuenta que los números pares corresponden a cebadores de secuencia directa y los impares a los de secuencia reversa. Un experto en la materia conoce el hecho de que para amplificar un fragmento de ADN por PCR siempre se necesita un cebador de secuencia directa y otro de secuencia reversa (complementaria a la cadena de ADN que se va a amplificar).

20

A modo esquemático, se incluyen las secuencias de los cebadores utilizados (secuencias NO:1 a NO:36).

25

Tabla 3

Cebador	SEC. NO.
F715.1*	1
F72	2
F73	3
F74	4
F77	5
F78	6
F712	7
F713	8
F714	9
F715	10
F716	11
F711.2	12
F712.1	13
F711.1	14
F712.2	15
F710.1	16
F711.3	17
F716.1*	18
F714.1*	19
F73.1*	20
F77.1*	21
F78.1*	22
F713.2*	23
F73.2*	24
F713.3*	25
F714.2*	26
F71.4*	27
F711.5*	28
F711.4*	29
F79A	30
F710A	31
F79B	32
F710B	33
F79C	34
F710C	35
F710G	36

0
 1
 2
 3
 4
 5
 6
 7
 8
 9
 10
 11
 12
 13
 14
 15
 16
 17
 18
 19
 20
 21
 22
 23
 24
 25
 26
 27
 28
 29
 30
 31
 32
 33
 34
 35
 36

La metodología seguida para la PCR es estándar. Brevemente, cada fragmento fue amplificado utilizando GeneAmp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems). Los productos de la PCR se generaron en 50µl de mezclas de reacción que contenían 200 ngDNA genómico, 0,5 U de Taq DNA polimerasa (Biotaq DNA Polymerase. Bioline), y los cebadores indicados en las tablas 2 y 3, a una concentración de 0,5 µM cada uno, los dNTPs a una concentración de 0,05 mM cada uno, 1,5mM MgCl₂ (1 mM MgCl₂ para el fragmento 1), y 5% DMSO (no DMSO en el fragmento 1 en el tampón para la PCR 1X Bioline).

El programa de la PCR se inició con 5 min a 94°C durante la desnaturalización inicial, seguido de 30 ciclos de amplificación que consiste en 1 min. a 94°C, 1 min. a temperatura de hibridación (57°C para los fragmentos 1, 2, 7, 9 y 11, 59°C para los fragmentos 3 y 8, y 61°C para el fragmento 10, de la tabla 1) y 2 min. a 72°C. En el último ciclo el tiempo de extensión se incrementó a 10 min.

Los fragmentos amplificados se sometieron a una electroforesis en un gel de agarosa al 1% para el control.

3. Secuenciación del ADN.

Se utilizó un método de secuenciación enzimática o método de los dideoxinucleótidos, que tiene como principio la síntesis de una cadena de ADN utilizando una DNA polimerasa a partir de un molde de ADN (fragmento que se quiere secuenciar) previamente desnaturalizado. En este caso se ha utilizado la técnica de la PCR (mencionada anteriormente) utilizando los 4 tipos de bases que componen el ADN en forma de dideoxinucleótidos (ddNTPs), cada uno de ellos marcado con una fluorescencia diferente.

Dicho marcador de fluorescencia puede ser cualquiera de los conocidos por un experto en la materia, tales como los BigDyes comercialmente disponible (Apply-
5 Biosystems).

En este paso es donde la síntesis del ADN se interrumpe al incorporar uno de los ddNTPs. De esta forma se obtienen una gran cantidad de fragmentos de distinto
10 tamaño que se separan mediante electroforesis capilar continuada. Cada uno de estos fragmentos lleva incorporado un ddNTP fluorescente que corresponde a una base determina de la cadena de ADN. El color de cada fragmento se determina cuando el fluorocromo (material fluorescente de
15 los ddNTPs) es excitado por un láser, produciendo así una señal que es recibida por un fotomultiplicador y transmitida a un ordenador.

El análisis de las señales en el ordenador permite
20 establecer la secuencia del fragmento en estudio. Esta técnica se realiza mediante un secuenciador automático de ADN (en nuestro caso un modelo ABI-310 de Apply Biosystems).

25 Todos las variantes alélicas han sido identificados por secuenciación directa del gen del FVII.

Los fragmentos amplificados por PCR fueron purificados, se eliminaron los dNTP y los oligonucleótidos
30 no incorporados, mediante las columnas Quiagen 'QIAquick PCR Purification Kit antes de ser secuenciados.

La reacción de secuenciación se realizó en un volumen de 10 µl, que contenía 3 µl del fragmento de ADN

purificado, 4 µl de DNA Sequencing Kit BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction (Applied Biosystems), 5% de dimethylsulfoxide (DMSO vol/vol) y 0,32 µM del oligonucleótido para secuenciar (tabla 3).

5

El programa de secuenciación consta de un paso inicial de 3'a 94°C, seguido de 25 ciclos con la rutina: 10 segundos a 96°C, 5 segundos de hibridación a 50°C y 4 minutos a 60°C. Las secuencias se realizaron en un ABI
10 PRISM 310 Genetic Analyzer.

De esta manera, se identificaron las variantes alélicas de la Tabla 1.

B
BB
B
B
BB
B
B
B

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Fundació privada e Institut de Recerca de l'Hospital
5 de la Santa Creu i Sant Pau.

<120> NUEVAS VARIANTES ALÉLICAS EN EL GEN DEL FACTOR VII

<130> A-153757

10

<140>

<141>

<160> 36

15

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:1

25

<300>

<400> 1

atcccatata ttctttctgca

20

30

<210> 2

<211> 20

<212> ADN

35 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial:SEC.Nº:2

40 <400> 2

agagcggacg gttttgttgc

20

45 <210> 3

<211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC. N°: 3

<400> 3 21
 cgggtcttgag atttgactcg c

<210> 4
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC. N°: 4

<400> 4 22
 cacacgatta tctggaagga ac

<210> 5
 <211> 19
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC. N°: 5

<400> 5 19
 ; cgcgggctga ggcaggttc

<210> 6
) <211> 19
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 5 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC. N°: 6

10

11

12

13

<400> 6
accacgtccc ttctgcgag

19

5

<210> 7
<211> 21
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

10

<220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:7

<400> 7

15 tctagccgag acgtgctctt g

21

20

<210> 8
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

25

<220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:8

<400> 8

cgagttgtca cgtcgtcctc

20

30

<210> 9
<211> 20
<212> ADN
35 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:9

40

<400> 9
actgtccccc ttgcaggagt

20

45

<210> 10
<211> 19

<212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>

5 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC. N°:10

<400> 10
 ttctcattgg tcagcggct

19

10

<210> 11
 <211> 22
 <212> ADN

15 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.N°:11

20 <400> 11
 gggttcattt cagtgatgtt ga

22

25 <210> 12
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

30 <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.N°:12

<400> 12
 cggcacagcc aatgtctgta

20

35

<210> 13
 <211> 20
 40 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.N°:13

45

<400> 13

gccgttctcg ttcacacaga

- 5 <210> 14
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- 10 <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:14
- <400> 14
 accttccagg cagaacacca c 21
- 15
- <210> 15
 <211> 20
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC. Nº:15
- 25 <400> 15
 ccctgctttt ggaagtgcag 20
- 30
- <210> 16
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
- 35
- <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:16
- <400> 16
 40 gtgcctggtc agctgggtct 20
- <210> 17
 45 <211> 21
 <212> ADN

6
 6

1

6
 6
 6
 6

6
 6
 6
 6

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:17

5

<400> 17

gggctcaatg acatagaccc a

21

10

<210> 18

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

15

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:18

<400> 18

20 gtgcgtgcat ccatgtgtat

20

<210> 19

25 <211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

30 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:19

<400> 19

tttctaggtc tgcaggggct

20

35

<210> 20

<211> 21

<212> ADN

40 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:20

45 <400> 20

18

18

18

18

ccataaactt ggtggaaggg c

21

<210> 21

5 <211> 21

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

10 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:21

<400> 21

aggtctggag ctctcagggg t

21

15

<210> 22

<211> 20

<212> ADN

20 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:22

25 <400> 22

tctccgcgtc cttgaagatc

20

30 <210> 23

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

35 <220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:23

<400> 23

agcccctgca gacctagaaa

20

40

<210> 24

<211> 20

45 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

15

20

25

30

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:24

5 <400> 24

agcacaggta ggggacggtg

20

10 <210> 25

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

15 <220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:25

<400> 25

tgatcaacac catctgggtg

20

20

<210> 26

<211> 20

25 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:26

30

<400> 26

tgggctcttg gtcaagtgag

20

35

<210> 27

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

40

<220>

<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:27

<400> 27

45 ggtgacgtgc acctgtggtc

20

B

1

B

B

<210> 28
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 5 <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:28
 <400> 28
 10 tggatcatctg ggtccagaat 20
 <210> 29
 15 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 20 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:29
 <400> 29
 cctgaccatt gtctcctcag 20
 25 <210> 30
 <211> 20
 <212> ADN
 30 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:30
 35 <400> 30
 aagggacgtg gtgagaagct 20
 40 <210> 31
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 45 <220>
 <223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:31

B

—

B
B
BB
B
B
B

<400> 31
aaaaatgcta ggcatgacca tc

22

5

<210> 32
<211> 22
<212> ADN
10 <213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:32

15 <400> 32
cctcatgctc aaagaagcct ca

22

20 <210> 33
<211> 21
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

25 <220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:33

<400> 33
cctgtcaaag acctcagact g

21

30

<210> 34
<211> 20
35 <212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:34

40 <400> 34
cccactttgg gtcccatatt

20

45
<210> 35

B

—

B
B
B
BB
B
B
B

<211> 22
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

5 <220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:35

10 <400> 35
tagagaagaa aatggctgct gc 22

15 <210> 36
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

20 <220>
<223> Descripción de la Secuencia Artificial: SEC.Nº:36

tccagtctga ggtctttgac 20

25

B

→

B
B
B
B

B
B
B
B

REIVINDICACIONES

1. Molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia del gen codificante del factor VII caracterizada por el hecho de que dicha molécula comprende por lo menos una variante alélica, afectando dicha variable alélica a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por dicha molécula de ácido nucleico.

10

2. Molécula de ácido nucleico según la reivindicación 1, caracterizada por el hecho de que la presencia de por lo menos una de dichas variantes alélicas es indicativa de una predisposición a una enfermedad cardiovascular.

15

3. Molécula de ácido nucleico según la reivindicación 1 ó 2, en donde dicha variante alélica es una de las identificadas en la Tabla 1.

20

4. Producto aislado codificado por una molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3 para utilizar como medicamento.

25

5. Oligonucleótido alelo-específico que se hibrida con una molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde el nucleótido del sitio polimórfico de dicho oligonucleótido alelo-específico es diferente del nucleótido del sitio polimórfico del alelo de referencia.

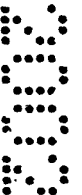
30

6. Oligonucleótido según la reivindicación 5 caracterizado por el hecho de que es una sonda.

7. Oligonucleótido según la reivindicación 5, caracterizado por el hecho de que es uno de los identificados en la tabla 3.

5 8. Procedimiento para el análisis de una molécula de ácido nucleico, caracterizado por el hecho de que comprende la obtención de dicha molécula a partir de una muestra biológica y la determinación de por lo menos una variante alélica de la Tabla 1, afectando dicha
10 variable alélica a la estabilidad y/o funcionalidad de dicha molécula de ácido nucleico y/o del producto codificado por ésta.

15 9. Dispositivo de diagnóstico para la determinación de una predisposición a una enfermedad cardiovascular caracterizado por el hecho de que comprende un oligonucleótido según cualquiera de las reivindicaciones 5 a 7.



**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☒ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER: _____**

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.